

9. ČESKO-SLOVENSKÁ MYKOLOGICKÁ KONFERENCE BRNO 4.–6. 9. 2025 ABSTRAKTY PŘEDNÁŠEK

Degradace vybraných přechodových rašelinišť a třasovišť z hlediska hub

MARTINA VAŠUTOVÁ¹, DANIEL DVOŘÁK², ŠTĚPÁN FOREJT¹

¹ Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta, Jihočeská univerzita v Českých Budějovicích, Branišovská 1760, 370 05 České Budějovice; mvasutova@prf.jcu.cz, forejs01@prf.jcu.cz

² Ústav botaniky a zoologie; Přírodovědecká fakulta, Masarykova univerzita, Kotlářská 2, 611 37 Brno; dvorak@sci.muni.cz

Přechodová rašeliniště a třasoviště jsou ohrožena změnou vodního režimu, eutrofizací a v některých případech i absencí managementu, což vede k jejich postupnému zarůstání konkurenčně silnějšími druhy rostlin a degradaci. Naším cílem bylo zjistit, jak na tyto změny reagují houby a zda ochránářsky významné druhy přežívají i v degradovaných částech těchto biotopů. Na vybraných rašeliništích na Třeboňsku a na Vysočině bylo v roce 2024 založeno 30 dvojic ploch v zachovalé a degradované části o rozměrech 10 × 10 m. Na těchto plochách je pravidelně sledován růst plodnic, a v říjnu 2024 byly odebrány vzorky na environmentální sekvenování (eDNA). Přes problémy se suchem byly dosud zaznamenány plodnice 111 druhů, z nichž 29 druhů patří k charakteristickým pro studované biotopy. Většina těchto druhů se vyskytovala výlučně na zachovalých plochách nebo je alespoň preferovala, 9 se vyskytovalo na obou typech ploch a 5 druhů rostlo převážně na degradovaných plochách. Tyto výsledky jsou ovšem ovlivněny malým počtem opakování a budou ověřovány v sezoně 2025. Pomocí eDNA bylo zachyceno pouze 34 ze 111 druhů pozorovaných na plochách v podobě plodnic, zbytek byly mikroskopické houby, dosud nezaznamenané nebo neidentifikované druhy. Z předběžné analýzy eDNA dat vyplývá, že složení houbových společenstev zachovalých ploch je si vzájemně podobnější než společenstva degradovaných ploch.

Výzkum je podpořen Grantovou agenturou České Republiky (projekt číslo 24-10844S).

Abiotické faktory a nie súčasný manažment ovplyvňujú výskyt smrčka stepného (*Morchella steppicola* Zerova) na Slovensku

VLADIMÍR KUNCA

Fakulta ekológie a environmentalistiky, Technická univerzita vo Zvolene, T.G. Masaryka 24, 960 01 Zvolen; kunca@tuzvo.sk

Lokality smrčka stepného (*Morchella steppicola*) hodnotíme na Slovensku, v krajine, ktorá predstavuje severnú hranicu jeho rozšírenia v tejto časti strednej Európy. Na zber environmentálnych údajov a informácií o súčasnom manažmente krajiny bolo vybraných celkovo 30 lokalít. Pôdy na študovaných lokalitách sú prevažne neutrálne až menej zásadité, s pH v rozmedzí 6,6–7,75, s priemernou hodnotou 7,25. Tieto pôdy pochádzajú prevažne zo spraše alebo pieskovca. Predmetné lokality sú teplomilné, prevažne vo forme pasienkov alebo suchých stepných trávnatých porastov, nachádzajúcich sa v nadmorskej výške od 97 do 326 metrov nad morom. Niekoľko študovaných lokalít (27 %) je formovaných umelo vytvorenými krajinnými prvkami. Diskutujeme o hrozbách pre lokality smrčka stepného na Slovensku, s odkazom na súčasnú absenciu pastvy na niektorých lokalitách a potenciálneho zarastania kríkmi a stromami.

Taxonomické a ekologické aspekty jazýčkovitých húb: od klasifikácie po trofizmus

VIKTOR KUČERA

Botanický ústav, Centrum biológie rastlín a biodiversity SAV, Dúbravská cesta 9, 845 23 Bratislava;
viktor.kucera@savba.sk

Niekoľkoročný cielený výskum vyústil do objavenia dvoch nových druhov húb rodu *Geoglossum* pre vedu. Zbery pochádzajú z Rumunska, z nezvyčajného biotopu, stabilizovanej riečnej náplavy. Intenzívny zber jazýčkov rodu *Thuemenidium* odhalil najmenej dva druhy v európskom regióne, pričom doteraz sa rozoznával iba jeden. Podobné výsledky sa ukázali aj na vzorkách zo Španielska a Portugalska. Na americkom kontinente sme rozlíšili niekoľko ďalších druhov a fylogenetických línií. Recentné analýzy druhov rodu *Microglossum* preukázali ich premiešanie s druhmi rodu *Thuemenidium*, čo bude viesť k návrhu nového rodu. Trofický status jazýčkovitých húb zostáva nejasný ale zistili sme, že *M. truncatum* pravdepodobne netvorí mykorízu s trávou *Sesleria caerulea* ani druhmi rodu *Genista*. Predbežné údaje naznačujú asociáciu jazýčka *Th. atropurpureum* s koreňmi rastlín z čeľade *Ericaceae* (*Pyrola* a *Orthilia*), prípadne s machmi, čo si však vyžaduje ďalšie skúmanie.

Štúdie boli vypracované s podporou projektu VEGA 2/0074/23.

Zajímavé nálezy CHEGD hub na Šumavě a v Bavorském lese

VOJTĚCH TRÍSKA

Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta, Jihočeská univerzita v Českých Budějovicích, Branišovská 1760,
370 05 České Budějovice; triskv01@prf.jcu.cz, triskavojtech@gmail.com

Extenzivně obhospodařované oligotrofní louky hostí specifické společenstvo hub, obvykle označované jako CHEGD houby. Do této skupiny patří čeleď *Clavariaceae*, rod *Hygrocybe* s. l., luční zástupci rodu *Entoloma*, čeleď *Geoglossaceae*, a rody *Dermoloma* a *Porpoloma*. V této přednášce budou představeny nálezy vzácných či jinak zajímavých CHEGD hub ze Šumavy a Bavorského lesa. Během roku 2024 bylo v rámci autorovy bakalářské práce celkem zaznamenáno a určeno 71 druhů CHEGD hub, z toho 31 uvedených v Červeném seznamu hub (makromycetů) ČR a 13 uvedených v mezinárodním Červeném seznamu IUCN. Mezi zajímavé nálezy, které budou prezentovány, patří například *Lamelloclavaria petersenii*, *Hygrocybe garajonayensis*, *H. turunda*, *Cuphophyllus flavipesoides*, *Neohygrocybe ovina*, *Entoloma cyaneolilacinum*, *E. simulans*, *Geoglossum vleugelianum* nebo *Pseudotracheloma metapodium*.

Výzkum byl finančně podpořen Studentskou grantovou agenturou (SGA) Přírodovědecké fakulty Jihočeské univerzity.

Co je a co není *Pholiota*

JAN HOLEC¹, MIROSLAV KOLAŘÍK²

¹Národní muzeum, Mykologické oddělení, Cirkusová 1740, 193 00 Praha 9; jan.holec@nm.cz

²Mikrobiologický ústav, Akademie věd ČR, Vídeňská 1083, 142 00 Praha 4; mkolarik@biomed.cas.cz

Již starší molekulární práce (např. Moncalvo et al. 2002) ukázaly, že rod *Pholiota* v tradičním morfologickém vymezení (např. Holec 2001) je polyfyletický. Situaci nejnověji shrnuli Tian et Matheny (2020). Navázali jsme na ně a získali referenční ITS a LSU sekvence drtivě většiny evropských zástupců včetně několika druhů jen málo sekvenovaných nebo dosud nesekvenovaných. Potvrdili jsme nebo nově ukázali, že některé druhy do monofyletického rodu *Pholiota* (s. str.) nepatří a jsou to zástupci více či méně vzdálených

rodů jak popsáných (*Hemipholiota*, *Pyrrhulomyces*, *Hypholoma*, *Flammula*, *Pleroflammula*), tak zatím nepopsáných. V naší prezentaci budou příslušné druhy komentovány. Do rodu *Pholiota* s. str. se naopak „vrací“ druh *Hemipholiota heteroclita*. Bude také komentován tajemný druh *Pholiota mucigera*, známý donedávna jen z typové lokality ve Finsku, a ruskými mykology nově nalezený v Komijské autonomní republice. Potvrzuje to, že výrazně odlišné taxony může znalec příslušné skupiny popisovat i podle jediného nálezu, ačkoli doporučenou praxí je publikování nových druhů podle většího počtu sběrů z důvodu posouzení jejich variability. Myslíme si ovšem, že v případě výrazných odlišných taxonů je dobré prezentovat je vědecké obci bez zbytečných odkladů formou popisu nového druhu – posunuje se tím rozvoj poznání dané skupiny. Nesmí to ovšem sklouznout do extrému, kdy se jako nový taxon popisuje prakticky každý zajímavý/odlišný nález, což se dělo právě i v rodu *Pholiota* (Smith et Hesler 1968) a dodnes to brzdí či devaluje práci seriózních pozdějších badatelů. V rodu *Pholiota* to byl např. nedávno zesnulý švédský mykolog Stig Jacobsson (viz jeho stěžejní práce Jacobsson 1991), jehož excelentně popsané nové druhy z Evropy na základě sekvenování jejich typů spadají pod taxony víceméně nahodile popsané Smithem a Heslerem. Popisované výsledky, na kterých spolupracují i Ellen Larssonová a Petr Zehnálek, jsou právě připravovány k publikaci.

Literatura:

- Holec J. (2001): The genus *Pholiota* in central and western Europe. – Libri Botanici 20, IHW-Verlag, Eching.
- Jacobsson S. (1991): *Pholiota* in northern Europe. – Windahlia 19: 1–86 („1990“).
- Moncalvo J.M., Vilgalys R., Redhead S.A., Johnson J.E., James T.Y., Aime M.C., Hofstetter V., Verduin S.J.W., Larsson E., Baroni T.J., Thorn R.G., Jacobsson S., Cléménçon H., Miller Jr. O.K. (2002): One hundred and seventeen clades of euagarics. – Molecular Phylogenetics and Evolution 23: 357–400.
- Smith A.H., Hesler L.R. (1968): The North American species of *Pholiota*. – Hafner Publishing Company, New York and London.
- Tian E., Matheny P. B. (2020): A phylogenetic assessment of *Pholiota* and the new genus *Pyrrhulomyces*. – Mycologia 113(1): 146–167.

Molekulárně potvrzené druhy rodu *Volvariella* v České republice

HANA ŠEVČÍKOVÁ

Botanické oddělení, Moravské zemské muzeum, Zelný trh 6, 659 37 Brno; hsevcikova@mzm.cz

V příspěvku bude prezentováno, které druhy kukmáků se v České republice bezpochyby vyskytují na základě dosud nepublikovaných ITS sekvencí i těch publikovaných v článku Caballero a kol. (2025). Podrobněji budou představeny nové druhy *Volvariella deceptiva* a *V. neoparvula*. Z druhů již dříve známých z ČR a nyní fylogeneticky ověřených bude diskutováno současné pojetí druhů *Volvariella hypopithys*, *V. pusilla* a *V. caesiotincta*, a krátce také zajímavá ekologie *V. bombycina* a *V. surrecta*.

Literatura:

- Caballero F., Justo A., Parra L.A., Angelini C., Consiglio G., Dovana F., Ferisin G., Kaygusuz O., Knudsen H., Llimona X., Muñoz G., Daniëls P.P., Pérez-De-Gregorio M.À., Ševčíková H., Valverde A., Vizzini A. (2025): Taxonomic and phylogenetic overview of the genus *Volvariella* (*Volvariellaceae*), with a focus on European species. – Phytotaxa 680(1): 1–85. <https://doi.org/10.11646/phytotaxa.680.1.1>

Druhy rodu *Melanoleuca* subg. *Melanoleuca* v České a Slovenské republice

VLADIMÍR ANTONÍN¹, ONDREJ ĎURIŠKA², SOŇA JANČOVIČOVÁ³, PETR ZEHNÁLEK^{4,5},
MICHAL TOMŠOVSKÝ⁶

¹ Botanické oddělení, Moravské zemské muzeum, Zelný trh 6, 659 37 Brno; vantonin@mzm.cz

² Katedra farmakognózie a botaniky, Farmaceutická fakulta, Univerzita Komenského v Bratislave, Odbojárov 10, 832 32 Bratislava; duriska@fpharm.uniba.sk

³ Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Komenského v Bratislave, Révová 39, 811 02 Bratislava; sona.jancovicova@uniba.sk

⁴ Národní muzeum, Mykologické oddělení, Cirkusová 1740, 193 00 Praha 9; petr.zehnalek@nm.cz

⁵ Katedra botaniky Přírodovědecké fakulty Univerzity Karlovy, Benátská 433/2, 128 00 Praha 2; petr.zehnalek@natur.cuni.cz

⁶ Ústav ochrany lesů a myslivosti, Lesnická a dřevařská fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 3, 613 00 Brno; michal.tomsovsky@mendelu.cz

V příspěvku bude podán přehled druhů rodu *Melanoleuca* s makrocystidami (podrod *Melanoleuca*) nalezených v České a Slovenské republice. Na základě studia morfologických znaků a fylogenie je z Evropy známo celkem 11 druhů (*M. albomarginata*, *M. ammophila*, *M. bataillei*, *M. cavipes*, *M. friesii*, *M. granadensis*, *M. melaleuca*, *M. pallidicutis*, *M. polioleuca*, *M. strictipes* a *M. variabilis*). Z nich je z území České republiky známo osm a ze Slovenska sedm druhů; pouze dva druhy (*M. polioleuca* a *M. ammophila*) nemají v obou republikách žádný nález. Podrobně budou představeny dva nově popsané blízce příbuzné druhy – *M. albomarginata* nalezený v ČR a *M. granadensis* známý z obou zemí.

Tři nové druhy pavučinců z jehličnatých lesů České republiky

ŠTĚPÁN FOREJT, MARTINA VAŠUTOVÁ

Katedra botaniky Přírodovědecké fakulty JU, Branišovská 31, 370 05 České Budějovice; forejs01@prf.jcu.cz

Díky své vysoké diverzitě, variabilitě makroskopických znaků a vzácnosti mnoha druhů patří pavučince (rod *Cortinarius*) mezi dosud nedostatečně prozkoumané skupiny ektomykorhizních hub na území České republiky. Srovnání s typovými sekvencemi již popsaných druhů, doplněné studiem makro- i mikroskopických znaků, výrazně usnadňuje jejich určování a poznání jejich variability bez nutnosti zasílat materiál specialistům. Tímto způsobem lze odhalit i pro vědu dosud neznámé druhy a popsat je, aby bylo možné sbírat další data o jejich ekologii a rozšíření. V tomto příspěvku představujeme tři nové druhy pavučinců. *Cortinarius minutus* (sekce *Acetosi*) se vyznačuje velmi drobnými plodnicemi připomínajícími některé zástupce rodu *Galerina*, bílým univerzálním velem, drobnými šupinkami na okraji klobouku a elipsoidními až úzce mandlovitými, jemně bradavčitými sporami. *Cortinarius rubrobadius* (sekce *Obtusi*) je podobný většině druhů ze sekce *Obtusi*, ale lze jej rozlišit podle červenohnědého klobouku, bílého univerzálního vela a elipsoidních spor. *Cortinarius sphagnofulvescens* (sekce *Laeti*) je molekulárně dobře podpořený druh z komplexu *Cortinarius fulvescens*, od něhož se morfologicky liší delšími sporami. Fylogenetická analýza sekcí *Acetosi*, *Laeti* a *Obtusi* ukazuje, že každý z těchto tří druhů tvoří dobře podpořenou linii v rámci příslušné sekce. Poznání těchto a podobných druhů v terénu, objevení dalších dosud nepopsaných taxonů a interpretace jmen druhů bez sekvencí z typového materiálu představují hlavní výzvy současného výzkumu pavučinců.

Výzkum byl částečně podpořen Technologickou agenturou České Republiky (projekt číslo SS07010037).

Molekulární diverzita *Stereum sanguinolentum* aneb měl Zdeněk Pouzar pravdu?

MICHAL TOMŠOVSKÝ

Ústav ochrany lesů a myslivosti, Lesnická a dřevařská fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 1,
602 00 Brno; michal.tomsovsky@mendelu.cz

Výzkum navazuje na práci Zdeňka Pouzara (Pouzar 2014), který navrhoval rozdělit pevník krvavějící (*Stereum sanguinolentum*; *Stereaceae*; *Russulales*) na dva odlišné druhy lišícími se šířkou výtrusů a afinitou jednoho z druhů k horským polohám. Pevník krvavějící je hojný parazit jehličnanů, především smrku, a obvykle napadá obnažené dřevo poraněných stromů. Bylo studováno celkem 23 položek tohoto druhu z různých biotopů od nížin po vyšší horské polohy z Česka, Slovenska, Švédska a Rakouska. Fylogenetická analýza založená na čtyřech molekulárních markerech (ITS a LSU oblasti ribozomálního RNA genu; translační elongační faktor 1 alfa a druhá největší podjednotka genu RNA polymerázy II) potvrdila, že pevník krvavějící není geneticky homogenní a došlo k rozštěpení na tři genetické linie odpovídající kategorii fylogenetického druhu. Na druhou stranu, analýza velikosti výtrusů nepotvrdila zásadní rozdíly v šířce výtrusů těchto tří kryptických druhů. Rovněž nebyla potvrzena zásadní vazba některého druhu na horské polohy. Ve výzkumu bude dále pokračováno.

Literatura:

Pouzar Z. (2014): Rozdělme pevník krvavějící – *Stereum sanguinolentum* – na dva samostatné druhy. – Mykologické Listy 127: 14–17.

Fylogeneze a evoluční mechanismy homoplasii modelových skupin tříd *Sordariomycetes* a *Dothideomycetes*

PATRIK MLČOCH

Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Palackého, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc;
patrik.mlcoch@upol.cz

Cílem práce je studium morfologických znaků a analýza fylogenetických vztahů vybraných modelových skupin vřetkovitých hub (především z řádů *Pleosporales*, *Diaporthales* a *Xylariales*) dříve souhrnně klasifikovaných do umělé třídy *Pyrenomycetes*. Základní myšlenkou studie je analyzovat homoplasie (především v morfologii konidií a askospor, ale také stromat aj.) těchto vybraných modelových skupin v konceptu jejich evoluční historie průnikem klasických morfologických, molekulárních a statistických metod a stanovit hypotézu, vysvětlující příčinu jejich nezávislého vzniku v jednotlivých fylogenetických liniích. Neboť hlavními analyzovanými kontextově-kauzálními faktory konvergence znaků budou klimatologické a environmentální proměnné, pro svou celoroční stabilitu a širokou biotopovou amplitudu byla pro analýzu vybrána geografická modelová oblast Makaronésie, i když pro lepší srovnání budou použita také data sbíraná v dalších oblastech světa. Vyřešení tohoto problému by mohlo pomoci pochopit evoluční historii těchto hub a jejich fylogenezi, která právě díky přítomnosti velkého množství homoplasii znesnadňuje morfologické definování charakteristických znaků jednotlivých větví. Vedlejším přínosem této studie je rovněž popis taxonomických novinek. Materiál sbíraný v přírodních ekosystémech rovněž zahrnuje velké množství endofytických druhů, které budou zahrnuty do projektu QL24010008 Endofytické mikroorganismy pro ekologizaci moderního zemědělství. V tomto příspěvku budou představeny první publikované i nepublikované výsledky tohoto výzkumu, zaměřené zatím převážně na taxonomii, fylogenezi a druhovou diverzitu studovaných ekosystémů.

Keratinofilní houby volně žijících hlodavců: obnova zapomenutého tématu

ADÉLA WENNRICH

Mikrobiologický ústav AV ČR, Videňská 1083, 142 00 Praha 4; cmokova@gmail.com

Volně žijící hlodavci představují potenciálně významný, avšak dosud málo prostudovaný rezervoár keratinofilních hub. Na tuto problematiku jako jeden z prvních upozornil prof. Zdeněk Hubálek, na jehož práci tímto příspěvkem symbolicky navazují. V rámci studie jsme kultivačně analyzovali mykobiotu srsti několika druhů volně žijících hlodavců pocházejících z různých biotopů České republiky. Pomocí morfologické identifikace a sekvenace ITS regionu byl detekován široký soubor ekologicky i klinicky významných zástupců, včetně dermatofytů (*Trichophyton*, *Arthroderma*) a dalších keratinofilních hub (*Chrysosporium* spp.), dále saprotrofních a psychrofilních rodů (*Pseudogymnoascus*, *Arthrographis*, *Scopulariopsis*) i oportunních entomopatogenů (*Beauveria* spp.). Výsledky ukazují na vysokou druhovou rozmanitost s různorodými ekologickými strategiemi a přítomnost málo známých či dosud nepopsaných taxonů. Naše zjištění otevírají nové otázky týkající se ekologické funkce těchto hub, jejich možného přenosu mezi hostiteli a významu v kontextu zoonotických onemocnění.

Druhové hranice v čeledi *Aspergillaceae*

FRANTIŠEK SKLENÁŘ^{1,2}, VÍT HUBKA^{1,2}

¹ Laboratoř genetiky a metabolismu hub, Mikrobiologický ústav AV ČR, Videňská 1083, 142 00 Praha 4

² Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Karlova, Benátská 2, 128 00 Praha 2

frantisek.sklenar@natur.cuni.cz, hubka@biomed.cas.cz

Čeď *Aspergillaceae* zahrnuje 3 významné rody vláknitých hub, *Penicillium* (598 druhů), *Aspergillus* (465 druhů) a *Talaromyces* (236 druhů). Řada zástupců těchto rodů je ekonomicky, klinicky nebo biotechnologicky významná. Přesné vymezení druhů je nezbytné pro pochopení jejich evoluční historie, možností biotechnologických aplikací, patogenního potenciálu, klinických diagnóz a terapeutických strategií. Z důvodu vysokého počtu přijatých druhů jsou rody dále rozděleny do podrodů, sekcí a (v případě rodů *Penicillium* a *Aspergillus*) sérií.

Klasifikace všech rodů prošla komplikovaným obdobím s mnoha změnami po nástupu molekulárních dat a zavedení pravidla „one fungus, one name“. V současnosti už je klasifikace na úrovni sekcí a podrodů relativně stabilizovaná, ale na úrovni druhů stále dochází k výrazným změnám (v posledních letech bývá popsáno více než 100 nových druhů čeledi *Aspergillaceae* za rok). Standardem pro rozlišení a popis nových druhů je polyfázický druhový koncept, který spočívá ve shromáždění co největšího množství dat různých typů (genetických, morfologických, fyziologických, ekologických atd.) a jejich následném kombinovaném vyhodnocení. V praxi ale hrají dominantní roli při rozhodování o druhových hranicích molekulární data (nejčastěji DNA sekvence několika genů). V našich studiích zpracováváme molekulární data pomocí metod pro delimitaci druhů, které zvyšují robustnost taxonomických rozhodnutí a mají potenciál standardizovat definici druhu. Touto metodikou jsme již revidovali několik sekcí a sérií, což vedlo jak k popisu nových druhů, tak také ke snížení počtu akceptovaných druhů v některých intenzivně studovaných skupinách rodu *Aspergillus*. Tyto výsledky otevírají debatu o taxonomické inflaci u vláknitých hub. Výzvou pro další studie v následujících letech je začlenění celogenomových dat do procesu delimitace druhů, čímž se opět zvyšuje riziko taxonomické inflace a je tedy nutné správně vyhodnotit rozsah vnitrodruhové variability.

Novinky v taxonomii rodů *Septonema* a *Hormiactella* (Venturiales, Ascomycota)

OMDŘEJ KOUKOL¹, GREGORIO DELGADO²

¹ Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Karlova, Benátská 2, 128 00 Praha 2;
ondrej.koukol@natur.cuni.cz

² Eurofins Built Environment Testing, Houston, Texas, USA

Zástupci rodů *Septonema* a *Hormiactella* patří mezi saprotrófní anamorfní askomycety vyskytující se na borce především jehličnatých dřevin. Jsou charakteristické řetízky dvou- a vícebuněčných fusiformních či válcovitých konidií. Rod *Septonema* je polyfyletický, což prokázaly dosavadní studie několika málo druhů, z nichž byly získány sekvence několika molekulárních markerů. Naproti tomu o fylogenetickém postavení druhů rodu *Hormiactella* není známo vůbec nic, nebyla od nich publikována jediná sekvence. V průběhu posledních několika let jsem získal čerstvé izoláty a následně i sekvence od druhů *Hormiactella asetosa* a *H. fusca*, které jsou si velmi podobné, liší se pouze šířkou konidií a přítomností sterilních set v koloniích *H. fusca*. Analýza ITS a LSU oblasti ribozomálního RNA genu ukázala, že oba patří do řádu *Venturiales*, ale nejedná se o blízké příbuzné druhy. Druh *H. fusca*, který je zároveň typovým druhem rodu, byl umístěn jako sesterský k druhu *Septonema fasciculare*, zatímco druh *H. asetosa* měl identickou sekvenci s nedávno popsáným druhem *Tyrannosorus pini-sylvestris*. Zjištěné výsledky částečně podporuje i analýza druhé největší podjednotky genu RNA polymerázy II, kde ovšem narážím na chybějící referenční data v databázi GenBank. Dosavadní zjištění ukazují nutnost nových kombinací, případně i synonymizaci rodu *Hormiactella* se starším rodem *Septonema*. To ale zatím není možné vzhledem k absenci sekvencí pro typový druh *S. secedens*. Získání jeho čerstvého izolátu a rovněž dalších druhů rodu *Septonema*, které kolonizují borku jehličnanů, je předmětem aktuálního výzkumu.

S kyjem na kuřátka: novinky ze světa taxonomie a chemie stročkovcotvarých hub (*Gomphales*)

JAN BOROVIČKA^{1,2}

¹ Ústav jaderné fyziky AV ČR, Hlavní 130, 250 68 Husinec-Řež

² Geologický ústav AV ČR, Rozvojová 269, 165 00 Praha 6; borovicka@gli.cas.cz

Mnohé stročkovcotvaré houby (*Gomphales*), zejména pak kuřátka (*Ramaria sensu lato*), patří přes nápadné tvary plodnic a relativně pestré palety morfologických znaků i ekologie k velmi obtížně určitelným houbám. V přednášce budou prezentovány výsledky sekvenací DNA několika desítek kolekcí těchto hub z území ČR, především pak taxonomické zajímavosti a nově zjištěné druhy od nás. Protože některá kuřátka akumulují v plodnicích významné množství arzenu, probíhá v současnosti výzkum chemické speciace (formy) tohoto prvku v plodnicích. Kromě environmentálních a taxonomických souvislostí akumulace a speciace arzenu v kuřátkovitých houbách se soustředíme i na identifikaci sloučenin arzenu, které nejsou doposud známy.

Minerály v lišajníkoch a hubách

VIKTÓRIA KRAJANOVÁ, BRONISLAVA LALINSKÁ-VOLEKOVÁ

Slovenské národné múzeum-Prírodovedné múzeum, Vajanského náb. 2, 810 06 Bratislava; v.krajanova@gmail.com

Huby v rámci svojho metabolizmu produkujú kyselinu šťaveľovú (oxalic acid), ktorá sa vo forme solí – oxalátov – ukladá najmä extracelulárne. V prípade makromycét precipitujú oxaláty najmä na povrchu plodníc a sú pozorovateľné aj voľným okom v teréne. V niektorých prípadoch sú oxaláty

v hubách prítomné aj intracelulárne a sú pozorovateľné len mikroskopicky. Prítomnosť oxalátov sa v niektorých rodoch húb využíva ako pomocný znak pri identifikácii. Najčastejšie ide o oxaláty vápnika vo forme monohydrátu alebo dihydrátu (napr. v rode *Geastrum*). Oxaláty vápnika sú prítomné v mnohých druhoch lichenizovaných húb. V lišajníkoch chemické zloženie oxalátov zvykne odrážať environmentálne podmienky – najmä ak je prostredie obohatené o kovy antropogénneho či geogénneho pôvodu. Okrem vápenatých oxalátov boli v lišajníkoch opísané aj oxaláty iných kovov, napr. horčíka, zinku, medi, olova, mangánu či niklu. Keďže viaceré z týchto zlúčenín sú uznané Medzinárodnou mineralogickou asociáciou (IMA) ako minerály, možno oxaláty produkované hubami a lišajníkmi považovať za biominerály. Z makromycét zatiaľ nie je známy spoľahlivo zdokumentovaný prípad kov-obsahujúceho oxalátu. Naopak, z lišajníka *Lecanora polytropa* bol v roku 2023 opísaný ruským kolektívom nový minerál pre svet – niklový oxalát andreybulakhit. Podobne významným objavom by mohol byť aj nález draselno-mednatého oxalátu v lišajníku (*Polysporinopsis* sp.) zo Španej doliny.

Možnosti zapojení do mezinárodního projektu FunDive

MONIKA KOLÉNYOVÁ^{1,2}

¹ Výzkumný ústav pro krajinu, Odbor ekologie lesa, Lidická 25, 602 00 Brno

² Ústav botaniky a zoologie; Přírodovědecká fakulta, Masarykova univerzita, Kotlářská 2, 611 37 Brno; 424056@mail.muni.cz

V rámci rozsáhlého mezinárodního projektu FunDive budou představeny aktuální možnosti spolupráce. Projekt se soustředí na monitoring a mapování diverzity hub s přímou vazbou na jejich ochranu. Přednáška se zaměří na možnosti aktivního zapojení místních mykologů a mykologických klubů do sběru dat. Klíčovou součástí projektu je i citizen science, tedy zapojení amatérských mykologů. Konkrétně se lze zapojit do šestnácti probíhajících/připravovaných celoevropských kampaní zaměřených na mapování a monitoring vybraných rodů či ekologických skupin. Mezi ně patří například výzkum diverzity borových lesů, nepůvodních druhů, hub v městském prostředí, epitypifikace v rodu *Lactarius*, taxonomie břichatkovitých hub a další.

Neprozkoumaný potenciál rodu *Exobasidium*: propojení ekologie, evoluce a objevování nových léčiv

MIROSLAV KOLAŘÍK

Mikrobiologický ústav, Akademie věd ČR, Vídeňská 1083, 142 00, Praha 4; mkolarik@biomed.cas.cz

Rod *Exobasidium* (třída *Exobasidiomycetes*, kmen *Basidiomycota*) zahrnuje biotrofní houby parazitující na rostlinách z řádu *Ericales*. Ačkoli *Exobasidium* významně ovlivňuje produkci čaje a borůvek, jeho kompletní životní cyklus a faktory virulence zůstávají málo prozkoumané, což brání vývoji účinných strategií ochrany. V naší studii jsme se zaměřili na mikrobiom trávicího traktu býložravého hmyzu. Během této práce jsme pomocí kultivačních metod i sekvenace environmentální DNA metod detekovali překvapivě častý výskyt kvasinkových stadií *Exobasidium*. Mnoho identifikovaných taxonů neodpovídalo známým druhům. Naše závěry naznačují, že některé druhy *Exobasidium* mají běžnou saprotrofní fázi, během které rostou na rostlinách mimo svého primárního hostitele. Dále předpokládáme, že u určitých druhů mohla patogenní fáze vymizet, což vedlo k přechodu na čistě saprotrofní způsob života – podobně jako je tomu u některých zástupců podkmene *Ustilaginomycotina*. Srovnávací metabolická studie obligátně patogenních a pravděpodobně saprotrofních druhů odhalila přítomnost metabolitů spojených s odlišnými ekologickými strategiemi. Identifikovali jsme šest nových derivátů pyranonaftochinonu (gunaciny A–E) spolu se známými

sloučeninami. Tyto látky vykazovaly silnou antiprotozoální aktivitu proti *Leishmania* a *Trypanosoma* spp. Výzkum zdůrazňuje rozmanité ekologické role druhů rodu *Exobasidium* a naznačuje, že srovnávací studie mohou odhalit faktory stojící za jejich odlišnými životními strategiemi, včetně nových faktorů virulence. Naše práce upozorňuje na sněti jako na dosud málo prozkoumaný zdroj bioaktivních látek.

Co můžeme vyčíst z genomu kvasinek žijících v trávicí soustavě lýkožrouta smrkového

BARBORA KRÍŽKOVÁ

Mikrobiologický ústav AV ČR, Vídeňská 1083, 142 00 Praha 4; b.krizkova@gmail.com

S rozvojem technologií je stále jednodušší získat úplný genom jakéhokoliv organismu a nahlédnout tak na jeho roli v ekosystému a biotechnologické využití. Funkční anotace genomů však stále narážejí na neúplnost databází a alternativní funkce anotovaných enzymů, což znesnadňuje interpretaci dat. Pro zjištění funkční role dominantních kvasinek patřících do střevního společenstva kůrovce lýkožrouta smrkového (*Ips typographus*) jsme proto spojili tři nezávislé přístupy: genomová data, in vitro enzymatické testy a analýzu metatranskriptomu, což přineslo jedinečný vhled do významu těchto kvasinek pro samotného kůrovce i do vztahů mezi mikroorganismy v rámci jeho trávicí soustavy.

U pěti druhů kvasinek, *Kuraishia molischiana*, *Nakazawaea ambrosiae*, *Ogataea ramenticola*, *Wickerhamomyces bisporus* a *Cryptococcus* sp., izolovaných ze střeva lýkožrouta smrkového, byly v genomech nalezeny kompletní dráhy pro štěpení buněčné stěny rostlin a hub, syntézu esenciálních aminokyselin a vitamínu B6, což naznačuje jejich klíčovou roli pro úspěšný vývoj tohoto škůdce.

Nakolik tato zjištění odpovídají reálné funkci, ilustruje in vitro analýza enzymů typu CAZymes (Carbohydrate Active enZymes), tedy enzymů zapojených do rozkladu, biosyntézy a modifikaci sacharidů. Zaměřili jsme se na rozklad buněčné stěny rostlin (lignin, celulóza, hemicelulóza, pektin) a hub (chitin) a zásobní látky rostlin (škrob). Výsledky ukázaly mírnou až vysokou aktivitu exoceluláz, mírnou aktivitu hemiceluláz a velmi nízkou aktivitu pektináz. Ani lignin, ani škrob těmito kvasinkami rozkládán nebyl. Nejvyšší enzymatickou aktivitu při štěpení celulózy a hemicelulóz vykazovaly druhy *Kuraishia molischiana* a *Nakazawaea ambrosiae*, které zároveň dominují ve střevním mikrobiomu lýkožrouta během letní generace.

Metatranskriptomická data střevního společenstva přinesla vhled do aktuálně probíhajících metabolických procesů. Tato analýza ukázala, že houby jsou schopné degradace celulózy a chitinu, ale pro degradaci pektinů a hemicelulózy závisí na bakteriálním společenstvu, které oproti houbám zajišťuje kompletní degradační dráhy těchto polysacharidů. Tato diskrepance ukazuje, že genomická data by měla být interpretována obezřetně a měla by být doplněna o další nezávislé analýzy, než budou vyvozeny závěry.

Komparativní genomika hub rodu *Geosmithia* napříč ekologickými strategiemi

TEREZA VESELSKÁ

Laboratoř genetiky a metabolismu hub, Mikrobiologický ústav AV ČR, Vídeňská 1083, 142 00 Praha 4; veselska.tereza@gmail.com

Rod *Geosmithia* zahrnuje houby asociované s podkorním hmyzem, jejichž ekologická role zůstává z velké části nejasná. Výjimkou jsou tři ambrosiové druhy (*G. microcorthyli*, *G. eupagioceri* a *G. cnesini*), nutriční symbionti ambrosiových brouků, kteří v bělovém dřevě aktivně pěstují houby, které jim slouží jako jediný zdroj potravy. Navzdory fylogenetické nepřibuznosti vykazují

ambrosiové houby konvergentní fenotyp: kvasinkovitý růst a palisádovité uspořádání hyf s kulovitými konidiemi, kterými se brouk živí. Podobný fenotyp se však vyskytuje i u dalších druhů rodu *Geosmithia*, zejména u specialistů žijících v úzké symbióze s lýkožravými kůrovci napadajícími stromy z čeledi *Pinaceae*. Tato symbióza je v rodě pravděpodobně ancestrální a je výsledkem dlouhodobé koevoluce. Ostatní druhy rodu tvoří generalistické asociace s různorodými hostiteli. Různé typy symbiózy, od volných po obligátní, se v rámci evoluce rodu vyvinuly opakovaně a nezávisle, což činí rod *Geosmithia* výjimečným modelem pro studium adaptací spjatých s přechodem k obligátní symbióze.

Pro srovnávací analýzy bylo vybráno 11 druhů *Geosmithia*: 3 ambrosiové, 3 specialisti a 5 generalistů. Jejich genomy byly sekvenovány technologií PacBio HiFi a sestaveny až na úroveň chromozomů. U čtyř druhů byla správnost složení genomů ověřena pomocí Hi-C sekvenace (Illumina NextSeq), která rovněž poskytla data pro analýzu prostorové organizace genomu. Transkriptomová data generovaná pro každý studovaný druh a vlastní proteinová databáze byla využita k anotaci genomů.

Velikost genomů se pohybovala mezi 25,9–30,3 Mb se zastoupením repetitivních elementů 3,4–11,5 %. Genomy byly sestaveny převážně do 9 chromozomů, s výjimkou dvou generalistů s 10 chromozomy. I mezi blízce příbuznými druhy byla pozorována nízká chromozomová syntenie, často doprovázená akumulací repetitivních sekvencí v oblastech chromozomových zlomů a vznikem druhově specifických genů. Hi-C analýza potvrdila přítomnost Rablovy konformace chromatinu a umožnila predikci poloh centromer, jejichž struktura však zůstává nejasná. Počet anotovaných genů se pohyboval od 6 993 do 8 472, přičemž specialisté vykazovali redukovaný počet, zejména mezi signálními proteiny a CAZymes.

Mykózy u transplantovaných pacientů

ELENA PIECKOVÁ, RENÁTA LEHOTSKÁ

Lekárska fakulta Slovenskej zdravotníckej univerzity v Bratislave, Limbová 12, 833 03 Bratislava;
elena.pieckova@szu.sk

Prezentácia približuje epidemiológiu invazívnych mykotických infekcií u transplantovaných pacientov – príjemcov orgánov, vrátane kostnej drene. Charakterizuje dokázané a možné scenáre infekcie pacientov, ako aj perspektívy prežitia. Osobitne sa venuje mykózam u príjemcov solidných orgánov. Uvedené sú najnovšie trendy v morbidite a mortalite príjemcov hematopoetických transplantátov. Predložené sú prípadové štúdie z praxe mykologického laboratória LF SZU. Príspevok uzatvárajú možné perspektívy v tejto oblasti lekárskej mykológie.

Charakteristika nepůvodních hub a oomycet v ČR

ZUZANA HAŇÁČKOVÁ¹, MARKÉTA HRABĚTOVÁ¹, LUCIE ZÍBAROVÁ², IVANA ŠAFRÁNKOVÁ³,
MICHAELA SEDLÁŘOVÁ⁴, VERONIKA DUMALASOVÁ⁵, ALENA HANZALOVÁ⁵, FRANTIŠEK LORENC⁶,
JANA PALICOVÁ⁵, DAVID NOVOTNÝ⁵, DANIEL ZAHRADNÍK¹, KAREL ČERNÝ¹

¹ Výzkumný ústav pro krajinu, v.v.i., Květnové nám. 391, 252 43 Průhonice; hanackova@vukoz.cz

² Resslova 26, 400 01 Ústí nad Labem

³ Ústav pěstování, šlechtění rostlin a rostlinolékařství, Agronomická fakulta, Mendelova univerzita v Brně,
Zemědělská 1665/1, 613 00 Brno

⁴ Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Palackého v Olomouci, Šlechtitelů 27, 783 71 Olomouc-Holice

⁵ Národní centrum zemědělského a potravinářského výzkumu, v.v.i., Drnovská 507/73, 161 00 Praha 6 – Ruzyně

⁶ Výzkumný ústav lesního hospodářství a myslivosti, v. v. i., Strnady 136, 252 02 Jíloviště

Tato studie představuje první systematicky sestavený seznam nepůvodních a kryptogenních hub a oomycet pro území České republiky. Studie dále navrhuje zobecněné schéma invazí hub s využitím terminologie a systémů používaných v ekologii invazních rostlin a živočichů. Celkově seznam zahrnuje 352 taxonů, z toho 38 archeomycet (zavlečených před rokem 1492) a 310 neomycet. Nejstarší doložený výskyt nepůvodního druhu pochází z roku 1813 (*Cronartium pini* a *Wilsoniana portulacae*). Nejvíce druhů pochází ze Severní Ameriky a Evropy (shodně 23,6 %) a dále z temperátní Asie (17,0 %), přičemž 64,5 % druhů má původ v mírném pásu severní polokoule. Z taxonomického hlediska dominují zástupci tříd Peronosporomycetes (21,0 %), Dothideomycetes (19,6 %), Leotiomyces (17,3 %), Pucciniomycetes (12,8 %), Sordariomycetes (11,6 %) a Agaricomycetes (9,9 %). Převážná většina druhů (89,2 %) jsou parazité rostlin, zatímco saprotrofní houby tvoří 8,5 %. Ostatní ekologické skupiny, jako jsou mykorrhizní druhy a parazité živočichů, jsou zastoupeny v řádu jednotek. Analýza vývoje introdukcí druhů v čase odhalila dvě výrazná maxima související s obdobím globalizace: první na počátku 20. století (před rokem 1930) a druhé, současné, po roce 2000. Obě fáze odděluje období pozvolného lineárního růstu. Současný exponenciální nárůst počtu druhů jasně koreluje s otevřením trhu a vstupem České republiky do Evropské unie. Vyhodnocení oblastí, které mohou jednotlivé druhy ovlivňovat, ukazuje, že většina druhů má potenciál způsobit negativní vliv – přibližně 48 % v okrasném zahradnictví, 41 % v zemědělství, 13 % v lesnictví a 10 % v přírodních ekosystémech. Diverzita a dopad nepůvodních hub v České republice jsou srovnatelné s okolními středoevropskými státy. Ačkoliv seznam nelze považovat za úplný a bude se pravděpodobně dále rozšiřovat, již nyní patří k nekomplexnějším národním přehledům nepůvodních hub v Evropě.

Poznatky k slovenskej populácii *Dothistroma pini*

KATARÍNA ADAMČÍKOVÁ, EMÍLIA ONDRUŠKOVÁ, MAREK KOBZA, RADOVAN OSTROVSKÝ,
ZUZANA JÁNOŠÍKOVÁ

Ústav ekológie lesa SAV, v.v.i., Oddelenie fytopatológie a mykológie, Akademická 2, Nitra;
katarina.adamcikova@ife.sk

Dothistroma pini je jeden z dvoch patogénov spôsobujúcich červenú sypavku borovíc. Tento druh bol definovaný v roku 2004 a následne zaznamenaný vo viacerých európskych krajinách. Na Slovensku bol prvýkrát zaznamenaný vo vzorkách odobratých z 2 plantáží *Pinus nigra* v juhozápadnej časti krajiny v roku 2013. V nasledujúcich rokoch (2014–2017) bolo identifikovaných 8 nových záznamov, z ktorých iba 2 boli porasty s väčším počtom infikovaných stromov, zatiaľ čo zvyšok (6 lokalít) predstavovali individuálne infikované stromy. Ďalšie skúmanie prítomnosti patogénu priamo v ihliciach borovíc pomocou druhovo špecifických primerov odhalilo v roku 2018 na Slovensku 17 nových stanovišť výskytu *D. pini*. Posledný prieskum šírenia patogéna zistil ďalších 15 lokalít.

Takmer všetky infikované stanovištia sú mestské výsadby alebo plantáže *P. nigra*, ktorý je dominantným hostiteľským druhom *D. pini* na Slovensku. Hostiteľské spektrum huby spolu zahŕňa 13 taxónov (*P. aristata*, *P. armandii*, *P. cembra*, *P. coulteri*, *P. densiflora*, *P. flexilis*, *P. jeffreyi*, *P. nigra*, *P. mugo*, *P. ponderosa*, *P. sylvestris*, *P. ×schwerinii*, *Picea abies*).

Tieto záznamy *D. pini* dokazujú jej postupné šírenie, potvrdzujú vyššie riziko napadnutia prevažne mestských plantáží a odhaľujú kolonizáciu nových typov porastov a hostiteľských druhov. Nové geografické záznamy zo severnej a východnej časti Slovenska poukazujú na expanziu patogéna, jeho geografický rozsah sa ukazuje byť väčší, ako sa pôvodne očakávalo.

U 105 izolátov zozbieraných z 10 lokalít a siedmich hostiteľov sme stanovili populačnú štruktúru, genetickú diverzitu a spôsob reprodukcie. Celkovo bolo identifikovaných 15 unikátnych multi-locusových haplotypov (MLH) a 3 ITS haplotypy. Tri nezávislé metódy (DAPC, STRUCTURE, EDENetwork) rozdelili izoláty do dvoch odlišných populačných klastrov zodpovedajúcich ITS hap-

lotypom. Zaznamenali sme vysokú úroveň klonality, čo naznačuje, že konídie sú primárnym zdrojom šírenia patogéna. Nízka genetická diverzita, prevažne nepohlavný spôsob reprodukcie patogéna a skutočnosť, že väčšina izolátov bola zozbieraná z introdukovaných druhov stromov a pôvodných druhov v umelo vysadenej mestskej zeleni, podporuje hypotézu, že *D. pini* bola na Slovensko introdukovaná nedávno, pravdepodobne v dôsledku šírenia sprostredkovaného človekom a v súvislosti aj s klimatickou zmenou.

Tento výskum bol finančne podporený grantom VEGA 2/0132/22 a COST CA20132.

***Plasmopara halstedii* v ČR**

MICHAELA SEDLÁŘOVÁ¹, JANA POKORNÁ¹, MILAN KITNER¹,
RADOSLAV KOPRNA², DANA ŠAFÁŘOVÁ³, ALEŠ LEBEDA¹

¹ Katedra botaniky, ² Katedra chemické biologie, ³ Katedra buněčné biologie a genetiky,
Přírodovědecká fakulta, Univerzita Palackého v Olomouci, Šlechtitelů 27, 779 00 Olomouc;
michaela.sedlarova@upol.cz

Výskyt *Plasmopara halstedii* (Farl.) Berl. & De Toni (*Peronosporaceae*, *Peronosporomycetes*, Oomycota, Straminipiles), významného původce plísně slunečnice s centrem výskytu v USA, byl v Evropě zaznamenán po 2. světové válce (od r. 1946 z území dnešního Chorvatska, Srbska a Rumunska). Tento biotrofní parazit byl zavlečen na jih Slovenska a pomezí Moravy pravděpodobně v sezóně r. 1955 s osivem. Od r. 2007 jsme prováděli výzkum rozšíření, patogenní variability a molekulární variability populací *Ph*, infekce virem *PhV*, účinků biocidů.

Pro ochranu porostů slunečnice jsou významné znalosti životního cyklu a způsobů šíření patogenu: 1/ oospory *Ph* v půdě perzistují i 10 let, produkují bičíkaté zoospory, které v půdní vodě chemotaxí vyhledávají hostitelské rostliny a působí primární systémovou infekci; 2/ zoosporangia na nadzemních orgánech rostliny jsou během sezóny v porostu šířena větrem a působí sekundární infekce, které někdy přecházejí do 3/ latentní infekce nažek (mycelium *Ph* přežívá pod osemením), což s přenosem osiva zabezpečuje i šíření patogenu na dlouhé vzdálenosti. S rozvíjejícími se technikami molekulární biologie lze detekovat *Ph* v osivu či půdě, či studovat genetické rozdíly mezi jednotlivými populacemi *Ph* a odhadovat historii šíření patogenu. Parasexuální proces u homothalické *Ph*, kde oogonia a antheridia vznikají během pohlavního rozmnožování na stejné stélce, je významný pro vznik nových fyziologických ras. Z celosvětově známých více než 50 fyz. ras jich bylo na území ČR spolehlivě potvrzeno 7 (na 12 lokalitách), přičemž fyz. rasy 705 a 715 byly poprvé vůbec nalezeny v oblasti Podivína. Infekce *PhV* způsobuje hypovirulenci plísně slunečnicové, ale přenos tohoto RNA viru není spolehlivý v laboratorních, natož polních podmínkách. Rezistence k metalaxylu M u českých izolátů *Ph* dosud potvrzena nebyla, alternativně jsou studovány účinky rostlinných biocidů.

Výzkum byl podpořen z prostředků MZe ČR (Národní program konzervace a využívání genetických zdrojů mikroorganismů a drobných živočichů hospodářského významu), TAČR (NCK 2 BIOCIRTECH, č. TN02000044) a IGA UP (PrF-2025-001).

Recentní zavlékání patogenů rodu *Phytophthora* s okrasnými rostlinami

MARKÉTA HRABĚTOVÁ, MARCELA MRÁZKOVÁ, KAREL ČERNÝ

Výzkumný ústav pro krajinu, v.v.i. Květnové náměstí 391, 252 43 Průhonice; hrabetova@vukoz.cz

Oomycety, zejména druhy rodu *Phytophthora*, patří mezi nejnebezpečnější invazní patogeny rostlin, napadají tisíce druhů hostitelů a jsou rizikem nejen pro zemědělskou produkci, ale také pro lesní porosty a přirozené ekosystémy. Jedná se o patogeny, které se často pasivně šíří prostřednictvím

mezinárodního obchodu s rostlinami. Přestože je tento problém dlouhodobě znám, otázkou zůstává, do jaké míry se fyto-sanitární opatření promítají do kvality rostlinného materiálu dostupného v běžné maloobchodní síti.

V letech 2021–2022 bylo proto odebráno a analyzováno 525 vzorků symptomatických okrasných rostlin, zejména stálezelených, zahrnující desítky různých taxonů (např. rodů *Buxus*, *Chamaecyparis*, *Juniperus*, *Pieris*, *Rhododendron*, *Syringa*, *Taxus*, *Thuja*). Vzorky byly odebírány pouze z rostlin, které vykazovaly příznaky infekce oomycety, jako je vadnutí, žloutnutí, nekrotické léze, odumírání kořenů apod. Odběry byly provedeny v zahradních centrech čtyř největších mezinárodních maloobchodních řetězců. V roce 2024 bylo odebráno a analyzováno dalších 93 vzorků, tentokrát asymptomatických rostlin rodů *Buxus*, *Chamaecyparis*, *Juniperus* a *Thuja*. Patogeny byly izolovány metodou lapacích listů a přímou izolací na selektivním médiu, následně identifikovány morfologicky a pomocí sekvenace ITS, COX1 a dalších markerů.

Oomycety se podařilo izolovat z více než 70 % symptomatických a 60 % asymptomatických vzorků. Bylo identifikováno téměř 60 taxonů oomycetů, z toho 28 taxonů rodu *Phytophthora*. Vedle běžných druhů jako *P. cambivora*, *P. citrophthora*, *P. plurivora*, byly nalezeny i vzácnější nebo dosud v ČR / Evropě nezaznamenané taxony (např. *P. nicotianae*, *P. niederhauseri*, *P. occultans*, *P. cf. multibullata*, *P. cf. ornamentata*, *P. ×stagnum*, *P. cf. tropicalis*).

Výsledky ukazují, že prostředí maloobchodních řetězců, charakterizované velkým množstvím prodaných rostlin, rychlou obměnou zboží, nevhodnými podmínkami skladování a nadměrnou závlahou, výrazně napomáhá šíření a možnému přechodu na nové hostitele. Riziko šíření oomycetů prostřednictvím mezinárodního obchodu je významné nejen u symptomatických, ale i u asymptomatických rostlin. Zvláštní pozornost si zaslouží skutečnost, že i viditelně infikované rostliny (včetně rododendronů napadených *P. ramorum*, a konifer napadených *P. cinnamomi*) jsou běžně nabízeny k prodeji, často za snížené ceny. Distribuce okrasných rostlin, nejen prostřednictvím mezinárodních maloobchodních řetězců, stále představuje významné a nedostatečně řešené fyto-sanitární riziko.

Výzkum je financován prostřednictvím Technologické agentury ČR a Ministerstva životního prostředí v rámci programu „Prostředí pro život“, projekt SS02030018 Centrum pro krajinu a biodiverzitu (DivLand).

Vývoj vnitrodruhové diverzity *Phytophthora ×alni* v oblasti povodí Vltavy

ŠTĚPÁN PECKA¹, ONDŘEJ KOUKOL², GABRIELA ŠRÁMKOVÁ², DANIEL ZAHRADNÍK¹, KAREL ČERNÝ¹

¹ Výzkumný ústav pro krajinu, v.v.i., Květnové nám. 391, 252 43 Průhonice; pecka@vukoz.cz

² Katedra botaniky, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Karlova, Benátská 2, 128 00 Praha 2

Phytophthora alni s.l., invazní patogen olší (*Alnus* spp.), zahrnuje tři druhy. Nejčastějším a zároveň nejvíce patogenním z nich je triploidní hybridní druh *P. ×alni*, který vykazuje značnou vnitrodruhovou variabilitu s dominancí genotypu Pxa-1, přičemž další desítky vzácných genotypů jsou od něj většinou odvozené ztrátou heterozygoty. Lokální populace tohoto patogenu jsou vysoce proměnlivé, avšak jejich populační struktura a dlouhodobý vývoj zůstávají stále nedostatečně prozkoumané.

V našem výzkumu jsme porovnali dva soubory izolátů *P. ×alni* získaných ze stejných lokalit v povodí Vltavy (Česká republika) – během epidemické fáze (2005–2010) a postepidemické fáze (2020–2024). Pomocí analýzy mikrosatelitů a testování biologické zdatnosti (produkce sporangii, růst a virulence) jsme analyzovali 151 izolátů *P. ×alni* reprezentujících 23 multilokusových genotypů. Naše výsledky ukazují, že po skončení epidemie došlo k významnému poklesu genetické diverzity a zároveň ke zvýšení zastoupení genotypu Pxa-1. Tento genotyp byl jako jediný opakovaně izolován ze stejných lokalit, zatímco vzácné genotypy jím byly často nahrazeny. Výskyt odvozených (vzácných) genotypů i míra jejich genetické odlišnosti od Pxa-1 v čase výrazně poklesla.

Testování vybraných genotypů ukázalo, že vzácné genotypy mají výrazně nižší fitness než domi-

nantní Pxa-1 – čím více genetických změn (zejména ztrát alel) daný genotyp měl, tím horší byly jeho schopnosti růstu, sporulace i virulence.

Získané výsledky nám umožňují formulovat hypotézu o vývoji populací *P. ×alni* v evropském měřítku: po počátečním zavlečení dominantního genotypu (nejčastější) do prostředí s vysokou hustotou citlivých hostitelů (olše) dochází k jeho rychlému asexuálnímu šíření a následné tvorbě odvozených genotypů, z nichž se však dlouhodobě udrží pouze ty s vyšší fitness, která se projeví jako výhoda až v prostředí, kde hostitelů významně ubylo. V postepidemické fázi tak dochází ke snížení genotypové diverzity a opětovnému posílení dominance Pxa-1.

Tento vývoj má zásadní ekologické důsledky. Přetrvávání nejvíce patogenního genotypu i v pozdních fázích invaze znamená, že riziko dalšího poškození přeživších populací olší nadále trvá. Vzhledem k tomu, že *P. ×alni* se šíří především vodou a jeho invaze je vázána na jednotlivá povodí, je pravděpodobné, že v jiných oblastech Evropy probíhá podobný scénář s různým časovým posunem. Výsledky zdůrazňují nutnost dlouhodobého sledování invazních patogenů nejen na úrovni druhové přítomnosti, ale také na úrovni populační genetiky, neboť tyto procesy mohou zásadně ovlivnit další dynamiku šíření i rozsah škod.

Projekt byl finančně podpořen grantem Technologické agentury ČR SS05010191.